



UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI MILANO

Identificate i primi 3 genomi completi dei virus isolati al Sacco

Il lavoro è stato svolto dal gruppo di Università Statale di Milano e Ospedale Sacco, coordinato da Gianguglielmo Zehender, Caludia Balotta e Massimo Galli, che ha portato a termine l'isolamento di 3 ceppi di coronavirus COVID19 dei ceppi attualmente circolanti nell'area di Codogno.

Milano, 4 marzo 2020. L'analisi filogenetica dei primi 3 genomi completi, ottenuti dagli isolati Italiani di SARS-CoV-2 sequenziati al Sacco il 27 febbraio e circolanti in Lombardia, ha dimostrato che risultano essere inclusi in un unico cluster di genomi isolati in altri paesi Europei (in particolare in Germania e Finlandia) e in paesi dell'America Centrale e Meridionale, oltre che all'isolato italiano recentemente pubblicato dall'ISS e' ottenuto nell'area del Lodigiano. L'analisi conferma comunque l'origine cinese dell'infezione.

La stima preliminare del tempo di origine di questo cluster corrisponde ad un periodo che precede di diverse settimane il primo caso evidenziato in Italia il 21 febbraio.

L'analisi in corso di ulteriori genomi ci consentirà di ottenere stime più precise sull'ingresso del virus nel nostro Paese e sulle possibili vie di diffusione.